

Figure 1

SEQ ID NO:29	1	MADKE-----NCIRVTRLAKKRAVEAMAASEQQRPS---KKRVVLGEL-----	60
SEQ ID NO:2		-----GIPGVDPV---RPRAV-----	
SEQ ID NO:29	61	-----KNLSSN-----	120
SEQ ID NO:2		-----	
SEQ ID NO:29	121	-----ISSIQTY-----DFSSGPQKQQKNKKNRKAKESL	180
SEQ ID NO:2		-----	
SEQ ID NO:29	181	-----KVEEAGIDVFSQDDPQMCAYVSDIYEYLHKMEMETKRRP	240
SEQ ID NO:2		-----APADLQLSGSYASDIYTYLRSLEVDPPRRS	
SEQ ID NO:29	241	LPDYLDKVQKDVNTANMRGVLIIDLVEVAEEYKLLPDTLYLTVSVIDRFLSMNALSQKQLQ	300
SEQ ID NO:2		RSDYIEAVQADVTAHMRSLVDNLVEVAEEYKLVADTLYLTISYVDRFLSVNALGRDKLQ	
SEQ ID NO:29	301	LLGVSSMLIAKYEIEISPPHVEDFCYITDNTYKKEEVVKMEADVLLKFLKFEMGNPTIKTF	360
SEQ ID NO:2		LLGVASMLIAAKFEEISPPHPEDFCYITDNTYTKHEELKMESEILKLLKFELGNPTIKTF	
SEQ ID NO:29	361	LRRLTRVVQDGDKNPNLQFEFLGYVLAELSLLDYGCVKFLPSLIASSVIFLSRFTLQPKV	420
SEQ ID NO:2		LRRFIRSAHEDKKGSILLMEFLGSYLAELSLLDYGCLRFLPSVVAAASVMFVARPDIDPNT	
SEQ ID NO:29	421	HPWNSLLQHNSGYKPADLKECVLIITHDLQLSKRGSSSLVAVRDYKQHKFKCVSTLTAPPS	480
SEQ ID NO:2		NPWNTKLQKMTGYKVSELKOCIVAIDHLQLNRKCPSLTAIRDYKQHKFKCVSLILVPVW	
SEQ ID NO:29	481	IPDEFFED---I	492
SEQ ID NO:2		IPTSIFYEDLAE.	

Figure 2

SEQ ID NO:30	1	M--RSYRFSDYLMHMSVFSNDMDLFC-----	60
SEQ ID NO:8		M--GDAAAST--SAPTTPTSILIC-----	
SEQ ID NO:10		H--ELTASS-----LC-----	
SEQ ID NO:12		M--SVSCLSDY-----DLLC-----	
SEQ ID NO:14		-----	
SEQ ID NO:30	61	-----GEDSGV-----FSGESTV-----DFSSEVDSWPGD-----	120
SEQ ID NO:8		-----LEDGSD-----LLADADD-----GAGTDLVVARDERLLVVD-----	
SEQ ID NO:10		-----	
SEQ ID NO:12		-----GEDSSG-----ILSGESP-----ECSFSDIDSSPPPPSPPT-----	
SEQ ID NO:14		-----ARAG-----IMDS-SP-----ECS-SDLSSPPSEAE-----	
SEQ ID NO:30	121	-----SIACFIEDER-TFVPGHDYLSR----FQ	180
SEQ ID NO:8		-----QDEEYVALLSKES-A-SGGGGPVEE----ME	
SEQ ID NO:10		-----	
SEQ ID NO:12		-----EDCYSIASFIEHER-NFVPGFEYLSR----FQ	
SEQ ID NO:14		-----SIAGFMEDEDER-NFVPGFEYLSR----FQ	
SEQ ID NO:30	181	TRSLDASAREE--SV--AWILKVQAYYNFQPLSAYLAVNYMDRFLYARRLP-ETSGWPMQ	240
SEQ ID NO:8		DWM--KAARSG--CV--RWIIKTTAMFRFGGKTAYVAVNYLDRFLAQRNVNRE-HAWGLQ	
SEQ ID NO:10		-WL--Q-----TNAGFRFSLKTAYVAVTYLDRFLARRCVDRL-KEWALQ	
SEQ ID NO:12		SRLDANAREE--SV--GWILKVHAYYGFQPLTAYLAVNYMDRFLDSRRLP-ETNGWPLQ	
SEQ ID NO:14		SRLDASAREE--SV--AWILKVQAYYAFQPVTAIYLSVNYLDRFLNSRPLPPKTNWPLQ	
SEQ ID NO:30	241	LLVACLSLAAKMEEILVPSLDFQVAGVKYLFEAKTIKRMELL-----VLSVLDWRL	300
SEQ ID NO:8		LLMVACMSLATKLEEHHPRLSEFPDLDAACEFAFDSASILRMELL-----VLGTLEWRM	
SEQ ID NO:10		LLSVACLSLAAKVEERRPPRLPEFKLDM----YDCASLMRMELL-----VLTTLKWQM	
SEQ ID NO:12		LVSVACLSLAAKMEELVPSLLDLQIEGAKYIFEPRTIRRMELL-----VLGVLDWRL	
SEQ ID NO:14		LLSVACLSLAAKMEESLPSLLDLQVEGAKYVFEKTIKRMELL-----VLGVLDWRL	

SEQ ID NO:30	301	RSVTFDFISFFAYKIDLRVPFSGSL-SPMLQSIILSNIKEASFLEY----	360
SEQ ID NO:8		IAVTFPYISYFAARFRTSA--GRILMRAVECVFAAIKVISSVEX-----	WPSSIATAAAI
SEQ ID NO:10		ITETPFYLNCFATAKFRHDER--KAIVLRAIECIFASIKVISSVGY----	QPSTIALAAI
SEQ ID NO:12		RSVTPLCFLAFFACKVDSTGTFIRFLISRATEIIVSNIQEASFLEY----	WPSCIATAAAI
SEQ ID NO:14		RSVTPFSFLDFFACKLDSTGTGTGFLISRATQIILSNIQEASFLEY----	WPSCIATAAAI
SEQ ID NO:30	361	LCVANELPSLSSVVPNPHEPETWCDGLSKEKIVRCYRLMKAMAIENNRLNTP--	420
SEQ ID NO:8		L-----	KVIAKL
SEQ ID NO:10		L-----	IARNKETAPNLDEL SVH
SEQ ID NO:12		LTAANEIPNWS-VVKP-ENAESWCEGLRKEKVI GCYQLMQELVINNNQRKLP	LLKVL PQL
SEQ ID NO:14		LHAANEIPNWS-LVRP-EHAESWCEGLRKEKIIGCYQLMQELVIDNNQRKPP--	KVLPQL
SEQ ID NO:30	421	RVSVRAS---STLTR--PSDESS-----SPCKRRKLSGYSWVGDETSTS-N	470
SEQ ID NO:8		-----	
SEQ ID NO:10		RLAPWQLMML-----	
SEQ ID NO:12		RVTTRMRSSTVSSF--SSSSSTSFSLSCKRRKLNRLWVDD-KGNSE.	
SEQ ID NO:14		RVTISRPIMRSSVSSFLASSSSPSSSLSCRRRKLNNLSLWVDDDKGNSQ.	

Figure 3

SEQ ID NO:31	1	MAADNIYDFVASNLLCTETKSLCFDDVDS--LTISQQNI-----ETKSKOL-SFNN---	60
SEQ ID NO:18		-----	
SEQ ID NO:22		HLRA-----	
SEQ ID NO:31	61	-----GIRSEPLIDLPS-----LSEECLSFMVQREMEFLPKDDYVERLRS--GDLDLS-VRK	120
SEQ ID NO:18		-----DL--FPQSEECVAGLVERERDHMPGPGCYGDRLRG--GGCLC-VRR	
SEQ ID NO:22		-----TRGCP-----RPVRRDHPSSDLTASTK	
SEQ ID NO:31	121	EALDWILKAHMHYGFGELSFCLSYNYLDRFLSLYELPRSKTWTVQLLAVACLSLAAKMEE	180
SEQ ID NO:18		EAVDWIKAYTHHRFRPLTAYLAVNYLDRFLSLSEVPDCKDWMQTQLLAVACVSLAAKME	
SEQ ID NO:22		-----MXF-----	
SEQ ID NO:31	181	INVPLTVDLQ-VGDPKFVFEGKTIQRMELLVLSTLKWRMQAYTPYTFIDYFMRKMN--GD	240
SEQ ID NO:18		TAVPQCLDLQEVGDARYVFEAKTVQRMELLVLITLNRHHAVTFFSYVDYFLNKLNNGGS	
SEQ ID NO:22		-----EANSAFEARTIKVMELLVFSTLKWRMQAVTACSFIDYFLCKFND--H	
SEQ ID NO:31	241	QIPSRPLISGSMQLILSIIRSIDFLEFRSSEIAAS--VAMSVSGEIQAKOI-DKAMPCFF	300
SEQ ID NO:18		TAPRSCWLLQSAELILRAARGTCVGRFPSEIAAA--VAAAAGDVDDADGVENACC---	
SEQ ID NO:22		DTPSMLAFSCSTDILSTTKXADFLVFRHSEIAGSVALPSFGEHKTSVVEMATTNCK---	
SEQ ID NO:31	301	IHLDKGRVQKVELIQDLTTATITTA-----AASLVPQSPIGVLEAAACLSYK	360
SEQ ID NO:18		AHVDKERVLRCQEAIGSMASAAIDDATVPPKSARRRSSPVVPQSPVGLDAAPCLSYR	
SEQ ID NO:22		-YINKG--VXCDRKOPD-----EV--LPLWNA-----	
SEQ ID NO:31	361	SGDERTV--GSCTTSSHT-----KRRKLDTSLEHG-----TSE--KL	420
SEQ ID NO:18		SEEAATATATATSAASHGAPGSSSSSTSPVTSKRRKLASRCDCGSCSDRSKRPAQWTK	
SEQ ID NO:22		-----YL-----KFGLRDM-----L	

Figure 4

SEQ ID NO:32	1	MAIEHNEQ--QELSQ-SFLLDALYCEEEEEKWGLVDDETIITPLSSEVTTTTTTT-KP	60
SEQ ID NO:24		-----	
SEQ ID NO:32	61	NSLLPLLLLEQDLFEWEDELLSLSFSKEKETH-CWFNSFQDDSD--LLCSARVDSVEWILK	120
SEQ ID NO:24		-----NSARAAVGVWSR	
SEQ ID NO:32	121	VNGYYGFSALTAVLAINYFDR-FLTSLHYQKD-KPWMIQLAAVTCLSLAAKVEETQVPLL	180
SEQ ID NO:24		AAARLGFSAALTAALAAAYLDRCFLPGGALRLGDQPWMARLAATAVTCFALAAKVEETRVPL	
SEQ ID NO:32	181	LDFQV-----EDAKYVFEAKTIQRMELLVSSLKWRMNPVTPLSFLDHIIRRLGLRNNIH	240
SEQ ID NO:24		LDLQLYAAADAADPYVFEAKTVRRMELLVLSALGWRMHPVTPFSYLPVLADAATR-----	
SEQ ID NO:32	241	WEFLRRCENLLLSIMADCRFVRYPSPVLATAIMLHVHQVEPCN--SVDYQNQLLGLVKI	300
SEQ ID NO:24		---LRSCGVLLAVMADWRWPRHRPSPAWAAAAALLITAAAGDGGDGDG---DTELLALINA	
SEQ ID NO:32	301	NKEKVNNCFELISEVCS-K-----PISHKRKYENPS-----HSPSGVID--PIYSS	360
SEQ ID NO:24		PEDKTAECAKIISEVTGMSFLAC-DVGVSAGNKRKHAQAQLYSPPPSPSGVIGALSCTFSC	
SEQ ID NO:32	361	ESSN-----DSWDLES-----TSSYF---PVFKKSRVQEQMKLASSIS---RVFV	420
SEQ ID NO:24		ESSTSATAMAAAVGPWAPSASVSVSSSPEPPGRAP-KRAAAAASASASAGVAPPVQVPH	
SEQ ID NO:32	421	EAVGS-----P-----H	439
SEQ ID NO:24		QLPPDEESRDAMPSTCAA.	